



HAL
open science

Sélection génomique, une évolution récente depuis 20 ans aux 3R

M. Barbezant, Didier Boichard

► **To cite this version:**

M. Barbezant, Didier Boichard. Sélection génomique, une évolution récente depuis 20 ans aux 3R. 20. Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants, Dec 2013, Paris, France. pp.17. hal-01019898

HAL Id: hal-01019898

<https://hal.science/hal-01019898v1>

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Sélection génomique, une évolution récente depuis 20 ans aux 3R

BARBEZANT M. (1), BOICHARD D. (2)

(1) UNCEIA, 149 rue de Bercy, 75595 Paris

(2) INRA, UMR1313 GABI, 78352 Jouy en Josas

Durant ses vingt années, les 3R ont vu l'émergence de l'utilisation des marqueurs génétiques jusqu'à la mise en œuvre de la sélection génomique en 2009 et ont accompagné la diffusion des connaissances et des applications.

Dès 1995, la session de génétique a été largement dédiée à la présentation des marqueurs génétiques et les possibilités théoriques offertes pour disséquer le déterminisme génétique d'un caractère et sélectionner les animaux. Il y a vingt ans, le concept de sélection génomique n'existait pas. On parlait de détection des régions du génome importantes pour le déterminisme d'un caractère (QTL) et de sélection sur la base de la transmission de ces régions entre générations, aussi appelée sélection assistée par marqueurs.

En 1999 ont été présentés les premiers résultats de détection de QTL en bovins laitiers conduits en collaboration entre l'INRA et les professionnels, et les premières simulations des possibilités de sélection assistée par marqueurs. A cette époque, la précision attendue était limitée et on attendait surtout un outil d'aide à la préselection, pour diminuer le coût des programmes sans les remettre en cause fondamentalement.

Les premières applications de sélection assistée par gènes ont vu le jour, le meilleur exemple étant présenté en 2002 avec le programme de résistance à la tremblante, impliquant un gène majeur mais unique.

L'année 2007 a été marquée par une session riche présentant un bilan de la sélection assistée par marqueurs chez les bovins laitiers mise en place depuis 2001 et les premiers résultats de détection de QTL des programmes Qualvigène et du Pin.

L'année 2008 a fait l'objet d'une session dédiée aux technologies « omiques » qui s'étaient fortement développées en recherche les années précédentes dans le cadre du GIS Agenae, montrant l'effet de certains gènes majeurs sur des caractères importants illustrés sur la tremblante caprine ou la muscularité bovine. Elle a aussi montré l'intérêt de la cartographie fine de QTL sur l'efficacité de la sélection assistée par marqueurs, permettant de tirer profit des associations marqueurs-QTL à l'échelle de la population et pas seulement intra famille, ouvrant la voie à une forte augmentation de l'efficacité de la sélection. Lors de cette session fut également montrée la faisabilité et l'intérêt du génotypage des embryons.

En 2009, année marquée par la mise en place pratique de la sélection génomique, les 3R ont consacré une session dédiée à ce sujet considéré comme une révolution en sélection. Parmi les exposés marquants, deux synthèses sur le principe de la sélection génomique et sur l'importance des populations de référence et donc du phénotypage pour de nouveaux caractères considérés comme difficilement sélectionnables, ainsi qu'une affiche discrète mais très marquante pour la suite décrivant le mode d'emploi de la sélection génomique avec l'arrêt du testage sur descendance pour maximiser le progrès génétique, tout en maîtrisant la consanguinité. Au cours de cette session, plusieurs belles histoires comme le bilan de dix années du programme tremblante, la découverte du gène Texel belge en ovins, les résultats de Qualvigène, ainsi que l'annonce de plusieurs gros projets qui allaient marquer les années suivantes, 3SR

ou Phénofinlait. Les années qui ont suivi ont fait l'objet de présentations régulières, montrant l'avancement de la théorie et des applications pratiques qui ont été rapides.

En 2010 ont été présentés les premiers résultats validant la sélection génomique chez les bovins laitiers, ainsi que le principe des puces de basse densité pour réduire le coût du génotypage.

En 2011 ont été illustrés l'intérêt de la collaboration internationale au sein d'Eurogenomics, ainsi qu'une validation des estimations génomiques avec des résultats sur descendance.

En 2012 sont présentés les premiers résultats de la sélection génomique en ovins laitiers, montrant la possibilité de mettre en œuvre au-delà des bovins laitiers mais aussi les difficultés à surmonter quand les conditions ne sont pas aussi favorables. La même année sont présentés la possibilité technique d'une évaluation génomique des embryons, ainsi que des résultats sur de nouveaux caractères dont la sélection peut être envisagée grâce à la génomique, sur la composition en acides gras du lait dans le programme Phénofinlait ou sur le comportement des ovins à la Fage.

Nul doute que ce sujet de la sélection génomique marquera le futur des 3R, tant dans son contenu méthodologique que dans son extension à de nouveaux caractères et à différentes espèces et populations.